
HMMER Sequences in the VPR-VPX Alignment

A_U455	HIVU455	M62320	Oram,J.D.	ARHR 6, 1073 (1990)
B_HXB2R	HIVHXB2R	K03455	Starcich,B.	Science 227, 538 (1985)
D_ELI	HIVELI	K03454	Alizon,M.	Cell 46, 63 (1986)
O_ANT70C	HIVANT70C	L20587	Vanden Haesevelde,M.	JVI 68, 1586 (1994)
O_MVP5180	HIVMVP5180	L20571	Gurtler,L.G.	JVI 68, 1581 (1994)
CPZGAB	SIVCPZGAB	X52154	Huet,T.	Nature 345, 356 (1990)
CPZANT	SIVCPZANT	U42720	Vanden Haesevelde,M.	Virology 221, 346 (1996)
VER_AGM3	SIVAGM3	M30931	Baier,M.	Virology 176, 216 (1990)
GRI_AGM677	SIVAGM677	M66437	Fomsgaard,A.	Virology 182, 397 (1991)
SAB_SAB1C	SIVSAB1C	U04005	Jin,M.J.	EMBO J. 13, 2935 (1994)

The following alignment and most likely sequence were generated using the HMMER program as described in Part III. For simplicity, only representative PIV type and subtype sequences are shown. Because annotation cannot simultaneously apply to VpR and to VpX, see the accompanying HIV-1 consensus alignments for this. Two conserved, gapless blocks were found using the BLOCKMAKER and Motif (or Gibbs) programs; these are shown by shading. The Motif "Cobbler" sequence follows the alignment.

most-likely	MEQA.....PRE..DQG.....PQREPY.NEWT..L.ELLEELKREAVRHF.PRELLFQ	42
A_U455	----.....-.-.----.----A-XA.----H-D----.---QW-HG	41
B_HXB2R	----.....-.-.----.----H.----N----.---IW-HG	41
D_ELI	----.....-.-.----A.----A.----S----.---IW-HS	41
O_ANT70	----.....-.-.----N----.----AK-F---A.----A.----PW-HA	41
O_MVP5180	----.....-.-.----L..N----.----A---F.----E----.---PW-QA	41
CPZGAB	----.....-.-.----.----P---.Q---A.----T----N----.---PW-H-	41
CPZANT	----.....-.-.----Q.----E.----M.----L.----T---I-N----.---QPT-QH	41
A_ROD_VPR	-AE-PT.....EL-PV..GT.....L--G.D--I..I--I-R-I-E--LK--D--IA	46
B_EHOA_VPR	-AE-VP.....EI-P--KN.....W.EQ-V..V.DV--I-Q--LK--D--TA	46
SD_MM251_VPR	--ER.....-P..NE.....W.D--V..V..V----E--LK--D--TA	42
STM_VPR	-THR.....-P...E.....W.D--V..V..V--I-Q--L--D--SA	42
A_ROD_VPX	-TD.....-TVPP.....NSG-ETIG-AFEW-NRTV-AIN---N-L.----I--	47
B_EHOA_VPX	-D.....-RVPP.....NSG-ETVG-AFEW-ETT--H-N-V--N-L.----I--	46
SD_MM251_VPX	-SD.....-RIPP.....NSG-ETIG-AFEW-NRTV--IN---N-L.----I--	47
STM_VPX	-SD.....-RIPP.....NSG-EAIE-AFEW-HRTV-DIN---N-L.----I--	47
VER_AGM3	-ASGR.....D--A.RP-ELEIWDLS--W.D--L..R.DM--DINQ--KM--.G-----	51
GRI_AGM677	-ASGR.....D--P.LP-WLEIWDLD--W.D--L..Q.DM-RD-NE--R---.GMNM-IR	51
SAB_SAB1C	-ASGGWLPPVGGDPKDPPKN--E.IP-WLETWDLF--F.D--L..R.DM-QD-NS--QC--.---N--R	66
most-likely	LG...QHIYE....TYGDT..WEGV....EALIRIL.QQALFIH.FRIGCRHS.....RIGQ...	84
A_U455	----N.....-.-.----I----.----L----.----Q----.----I...	83
B_HXB2R	----.----.----A----.----I----.----L----.----X----X	79
D_ELI	----.----.----V----.----I----.----L----.----Q----.----I...	83
O_ANT70	----Y----.----V----.----M-I----.----L-T..Y----Q----.----I...	83
O_MVP5180	C----Y----.----M-I----.----L-T..Y----Q----.----ILPS	86
CPZGAB	----F--D----.----V----.----I----.----HL----.----L--Q----.----I...	83
CPZANT	-EIGYMQ-T....IH-EE..CRF	59
A_ROD_VPR	--.KY--T....RH----.L--A....RE-KV--R--T--A--G--.----.----.	88
B_EHOA_VPR	--.NF--N....RH-N-..L--A....GE--KL-.R--L--G--Q--.----.----.	88
SD_MM251_VPR	--.N--N....RH----.L--A....GE----.R--M--G--N--.----.----.	84
STM_VPR	--.NY--D....RH----.L--A....GE--K--.R--M--G--.----.----.	84
A_ROD_VPX	VW...-RSWR....YWH-E..QGMSESYTKYRYLCII-K-VYM..V-K--TCL.....GR-H...	94
B_EHOA_VPX	VW...-KSWA....YWREE..QGMSISYTKYRYLC-M-K-M--.AK--GCL.....-E-H...	93
SD_MM251_VPX	VW...-RSW----.YWH-E..QGMSQSYVKYRYLC-M-K--M..CKK--CL.....GE-H...	94
STM_VPX	VW...RRSW----.YWH-E..QGMPGSYVKYRYLC-I-K--M..SKR--CL.....GE-H...	94
VER_AGM3	VW...NYCQ-EG.ERNRTPM.L-RA....YKYYKLV.-K--V.--C--RRQPFEP...YEER-D---	106
GRI_AGM677	VW...NYCV-EG..RRHN-PWN-IG....YKYY--V.-KSM-V.--C--RRGPFSP...YEER-N----	106
SAB_SAB1C	-W...WN-V-EPAIDH-Q-R.L--W....YKYC---.K--V..MKGR-.CKPKTHPAYGPGAGGPPP...	124

HIV1 VPR/VPX

most-likely	.G.GG.RRGPPPRNPPSRS	100
A_U455	.I.P-.-....G--GA---	96
D_ELI	.I.RQ.-....A--GS---	96
O_ANT70	.NPR-.G...R--GS---	97
O_MVP5180	NT.R-.G...R--GS---	100
CPZGAB	.L.PQ.--...RS-GSN--	96
A_ROD_VPR	.T.R-.GN.-LSAI-TP-NMQ	105
B_EHOA_VPR	.P.--.GN.-LSAI---X	102
SD_MM251_VPR	.P.--.GN.-LSTI---	97
STM_VPR	.P.--.GN.-LATI--T-GVL	101
A_ROD_VPX	.-P--W-P----PP--GLV	112
B_EHOA_VPX	.-P--W-S----PP--GLA.X	112
SD_MM251_VPX	.-A--W-P----PP--GLA	112
STM_VPX	.-A--W-P----PP--GLA	112
VER_AGM3	.-.-..-A...G-V--GLD	119
GRI_AGM677	.-.-..AP....PP--GL	117
SAB_SAB1C	.-L--.AS-GAASAA-GL	140

COBBLER sequence from MOTIF

>VPR_VPX D_ELI, with embedded consensus blocks
meqapadqgPQREPWDEWLLEMLELNQEAVRHFPRELLFQLWQYIYEtygdwvgveai
irILQKALFMHFRxGCqhsrigiirqrrarngssrs

HIV1 VPR/VPX CONSENSUS

	<- vif cds / <- oligomerization	->/	LR domain / <-
CONSENSUS-A	ME?..AP.EDQGPQREP??E??LELLEELKHE?VRHFPR?WLHGLGQHIY?TYGDTWEGV?AIIRILQQL		58
CONSENSUS-B	--q?---?-----yN-Wt-----?-A-----i---?-----E-----a--E-----		65
CONSENSUS-D	--Q.---.-----YN-Wt-----S-A-----I--S---?--E-----?--E-?-----		64
CONSENSUS-O	--Q.---.n---a--fN-Wt-----?-A-----p---a---y--E-----m-----		66
CONSENSUS-U	--Q.---.A-----HN-WT-----Q-A-----I--S-----E-----E---S---		67
CONSENSUS-CPZ	--Q.---.?---?----W---T---?-N-A-----?P?-????-???-?-??????-??????-???		33
LR domain ->/ tat cds ->			
CONSENSUS-A	LF?H.FRIGCQHSRIGII...?GRRG.RNGA?RS\$		84
CONSENSUS-B	--i?----r-----t...-q--a?---S---		93
CONSENSUS-D	--I.-----t...RQ--A.--SS--		93
CONSENSUS-O	--t-.Y-----????-rg--r---SS--		94
CONSENSUS-U	--I.-----T...RQ--A.--SS--		96
CONSENSUS-CPZ	?I-..????-?----L...PQ--R.S--SN--		54